

## **Número de Famílias a Serem Avaliadas no Processo Seletivo em Autógamas**



ISSN 1983-0483

Agosto, 2012

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Amazônia Oriental  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

# ***Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 78***

## **Número de Famílias a Serem Avaliadas no Processo Seletivo em Autógamas**

*Fábio de Lima Gurgel  
Daniel Furtado Ferreira  
Ana Carolina Soares e Soares*

Embrapa Amazônia Oriental  
Belém, PA  
2012

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Amazônia Oriental**

Tv. Dr. Enéas Pinheiro, s/n.

Caixa Postal 48. CEP 66095-100 - Belém, PA.

Fone: (91) 3204-1000

Fax: (91) 3276-9845

www.cpatu.embrapa.br

cpatu.sac@embrapa.br

**Comitê Local de Publicação**

Presidente: *Michell Olivio Xavier da Costa*

Secretário-Executivo: *Moacyr B. Dias-Filho*

Membros: *Orlando dos Santos Watrin*

*Márcia Mascarenhas Grise*

*José Edmar Urano de Carvalho*

*Regina Alves Rodrigues*

*Rosana Cavalcante de Oliveira*

Revisão técnica: *Marcelo Geraldo de Moraes Silva – IFNMG*

Supervisão editorial: *Luciane Chedid Melo Borges*

Revisão de texto: *Narjara de Fátima Galiza da Silva Pastana*

Normalização bibliográfica: *Luiza de Marillac Pompeu B. Gonçalves*

Editoração eletrônica: *Euclides Pereira dos Santos Filho*

Foto da capa: *João Elias Lopes*

**1ª edição**

Versão eletrônica (2012)

**Todos os direitos reservados**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

Embrapa Amazônia Oriental

---

Gurgel, Fábio de Lima

Número de famílias a serem avaliadas no processo seletivo em autógamias / Fábio de Lima Gurgel, Daniel Furtado Ferreira, Ana Carolina Soares e Soares. - Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2012.

26 p. il. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Amazônia Oriental, INSS 1983-0483; 78)

1. Plantas autógamias – Seleção. 2. Melhoramento genético vegetal. 3. Herdabilidade. I. Ferreira, Daniel Furtado. II. Soares, Ana Carolina Soares e. III. Título.  
IV. Série.

CDD 21. ed. 631.53

# Sumário

<b>Resumo .....</b>	<b>5</b>
<b>Abstract.....</b>	<b>6</b>
<b>Introdução .....</b>	<b>7</b>
<b>Material e Métodos .....</b>	<b>8</b>
<b>Resultados e Discussão.....</b>	<b>10</b>
<b>Conclusão .....</b>	<b>24</b>
<b>Agradecimentos .....</b>	<b>24</b>
<b>Referências .....</b>	<b>25</b>



# Número de Famílias a Serem Avaliadas no Processo Seletivo em Autógamas

---

*Fábio de Lima Gurgel<sup>1</sup>*

*Daniel Furtado Ferreira<sup>2</sup>*

*Ana Carolina Soares e Soares<sup>3</sup>*

## Resumo

Foram obtidas informações a respeito do número ideal de famílias, no processo seletivo com plantas autógamas, que pudessem ser extrapoladas para outras condições. Implementou-se dois aplicativos computacionais em ambiente de programação Delphi, simulando várias configurações. Na primeira alternativa de simulação foram considerados os valores de herdabilidade, número de locos segregantes em  $F_2$  e número de indivíduos na geração infinito. Na segunda alternativa de simulação consideraram-se apenas os valores de herdabilidade e o número de indivíduos da geração infinito. Concluiu-se que se deve considerar a herdabilidade do caráter; para se obter um ganho genético em torno de 1,10 na população selecionada, são necessárias 5 mil linhagens para  $h^2 = 0,30$  e 10 linhagens para  $h^2 = 0,70$ ; se o caráter apresentar  $h^2$  inferior a 0,30 será necessário maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior à média da população.

**Palavras-chave:** linhagens, herdabilidade, simulação.

---

<sup>1</sup>Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, fabio.gurgel@embrapa.br.

<sup>2</sup>Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor da Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, danielff@dex.ufla.br.

<sup>3</sup>Graduanda em Agronomia pela Universidade Federal Rural da Amazônia (Ufra), estagiária da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, anacarolinassoares@hotmail.com.

# Number of Families Evaluated in Self-pollinated Plants Selection Process

---

## Abstract

It was gotten information about the ideal number of families, in the selective process with self-pollinated plants, which can be extrapolated to other conditions. Two computing appliances were implemented in environment of Delphi program, where many configurations were simulated. In the first alternative of simulation the inheritability values, number of segregative locus in  $F_2$  and number of individuals in the infinite generation were considered. In the second alternative of simulation only the inheritability values and the number of individuals of the infinite generation were considered. As a conclusion, to determine the ideal number of families to be evaluated in the selective process, the inheritability of the character must be considered; to obtain a genetic gain around 1,10 in the selected population, 5,000 lines are necessary to  $h^2 = 0,30$ , and 10 lines to  $h^2 = 0,70$ ; if the character shows  $h^2$  inferior to 0,30, it will be necessary a greater number of lines in order to have a high probability for obtaining a line with an average genotypical value superior to the population one.

Key-words: lines, inheritability, simulation.

## **Introdução**

O aumento na eficiência dos programas de melhoramento genético de plantas é necessário para que se continue obtendo ganhos com a seleção, em magnitude suficiente para atender à demanda sempre crescente da população mundial. Considerando que todos os programas de melhoramento possuem recursos limitados, uma das questões comumente formuladas refere-se ao problema de se realizar várias hibridações anualmente e conduzir um número reduzido de famílias de cada cruzamento ou realizar poucas hibridações, avaliando um maior número de famílias para explorar ao máximo a variabilidade gerada em cada cruzamento (FERREIRA; RAMALHO, 1998; RAMALHO et al., 2001).

Estudos de simulação foram realizados visando a obter informações a esse respeito (FOUILLoux; BANNEROTt, 1988; BAKER, 1984). Fouilloux e Bannerot (1988) mostraram que o sucesso do melhoramento é praticamente o mesmo quando se usa um número relativamente pequeno de famílias (50 indivíduos) ou um número grande (maior que 500). Dessa forma, seria mais oportuno avaliar um pequeno número de famílias de vários cruzamentos. A principal restrição nesse caso é que foi considerada herdabilidade igual a 1,0, o que não é comum para a maioria dos caracteres. De acordo com Baker (1984) uma população de tamanho variando de 500 a 1 mil indivíduos seria suficiente para uma resposta em curto prazo em culturas autógamas, enquanto populações menores, entre 50 a 100 indivíduos, seriam utilizadas em programas de seleção recorrente a médio e longo prazo.

Utilizando dados experimentais obtidos com a cultura do feijoeiro, Ferreira e Ramalho (1998) realizou algumas simulações e constatou que, quando se utiliza nas avaliações número inferior a 100 famílias, existe uma grande possibilidade de a herdabilidade ser nula, isto é, não haver nenhum progresso com a seleção. Como se constata, esses



trabalhos foram realizados para condições bem específicas, condições essas que dificultam a generalização dos resultados. Por essa razão foi realizado o presente trabalho de simulação visando à obtenção de informações a respeito do número ideal de famílias, no processo seletivo com plantas autógamas, que possam ser extrapoladas para outras condições.

## Material e Métodos

Para a realização deste estudo foram implementados dois aplicativos computacionais em ambiente de programação Delphi (CANTÚ, 2002). Em cada aplicativo foram simuladas várias configurações.

Na primeira alternativa de simulação foram considerados os valores de herdabilidade (0,0001; 0,001; 0,01; 0,05; 0,10; 0,20; 0,30; 0,50; 0,70; 0,90 e 1,00), número de locos segregantes em  $F_2$  (20, 40, 60, 80 e 100) e o número de indivíduos na geração infinito (25, 50, 100, 400 e 1000), totalizando 330 casos, em que cada caso foi simulado 75 mil vezes.

Na segunda alternativa de simulação não foi considerado o número de locos segregantes em  $F_2$ , apenas os valores de herdabilidade (0,0001; 0,001; 0,01; 0,05; 0,10; 0,20; 0,30; 0,50; 0,70; 0,90 e 1,00) e o número de indivíduos da geração infinito (10, 25, 50, 100, 200, 400, 1000 e 5000), totalizando 88 casos, em que cada caso foi simulado 50 mil vezes. Foi considerado para isso um modelo estatístico-genético.

Na primeira alternativa de simulação foi considerada uma população na geração infinito ( $F_\infty$ ). Para isso foi considerada a variância genética ( $\sigma_g^2$ ) entre as linhagens como sendo obtida por  $\sigma_g^2 = \sum_{j=1}^g a^2 = g \cdot a^2$ , em que  $g$  é o número de locos segregando e  $a$  é o desvio dos homozigotos em relação à média para cada loco. Obteve-se também a variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ) pela expressão:  $\sigma_e^2 = \frac{(1-h^2)}{h^2} \cdot \sigma_g^2$ . Foram geradas  $n$  linhagens na geração ( $F_\infty$ ) considerando os diferentes números ( $g$ ) de locos segregantes. Para isso, considerou-se um número aleatório uniforme

inteiro que pode ser 0 ou 1. Se o seu valor for 1, tem-se o loco do tipo  $A_iA_i$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ ), caso contrário o loco é do tipo  $a_ia_i$ , em que o alelo favorável é representado pela letra maiúscula. O valor genotípico  $j$  de cada linhagem foi, então, obtido pela expressão:  $G_j = m - k_1 \cdot a + k_2 \cdot a$  em que:  $k_1$  é o número de locos favoráveis e  $k_2$  é o número de locos desfavoráveis,  $j = 1, 2, \dots, n$  e  $g = k_1 + k_2$ . O valor de  $a$  foi fixado em 1 e o valor de  $m$  em 100, sem perda de generalidade, ou seja, para todos os  $g$  locos o valor de  $a$  foi considerado igual a 1,0. Em seguida, foram gerados valores dos erros associados a cada valor genotípico de acordo com o modelo normal,  $N(0, \sigma_e^2)$  da seguinte forma:  $\varepsilon_j = Z \cdot \sigma_e$  em que:  $z$  é um número aleatório da distribuição normal padrão,  $N(0,1)$ , gerado por:  $z = \Phi^{-1}(U)$  em que:  $U$  é um número aleatório uniforme  $(0,1)$ , gerado pela função RANDOM do programa Delphi;  $\Phi^{-1}$  é a inversa da função de distribuição da normal padrão cujo algoritmo utilizado foi apresentado por Dachs (1988). O valor fenotípico de cada linhagem ( $L_j$ ) foi gerado por meio da expressão:  $L_j = G_j + \varepsilon_j$ . Os  $L_j$  valores fenotípicos foram então ordenados de forma crescente, isto é,  $L_{(1)}, L_{(2)}, \dots, L_{(n)}$ , em que  $L_{(1)}$  é o menor valor fenotípico,  $L_{(2)}$  é o segundo menor valor e  $L_{(n)}$  é o maior fenótipo. O maior fenótipo  $L_{(n)}$  foi selecionado e registrou-se o número de locos favoráveis do genótipo correspondente a esse fenótipo. A partir da distribuição do número de genes favoráveis observados na linhagem de maior valor fenotípico foi possível obter a média, a variância, o número máximo e o mínimo do número de locos favoráveis no indivíduo de maior fenótipo.

A segunda alternativa de simulação considerou o modelo  $L_j = G_j + \varepsilon_j$ . Ambos os efeitos foram simulados de uma população normal, ou seja,  $G_j \sim N(0, \sigma_g^2)$  e  $\varepsilon_j \sim N(0, \sigma_e^2)$ ,  $j = 1, 2, \dots, n$  genótipos. O valor de  $\sigma_g^2$  foi fixado em 1, sem perda de generalidade. O valor de  $\sigma_e^2$  foi especificado em função da herdabilidade. Em seguida, os valores da distribuição normal de  $G_j$  e  $\varepsilon_j$  foram simulados, utilizando o teorema da probabilidade integral (DACHS, 1988). Uma amostra de  $n$  linhagens foi obtida e as seguintes estatísticas computadas:

$$L_{MAX} = \text{Max}\{L_1, L_2, \dots, L_j, \dots, L_n\} \text{ e } s = \sqrt{\frac{1}{n-1} \left[ \sum_{j=1}^n L_j^2 - \frac{(\sum L_j)^2}{n} \right]}$$

em que:  $L_{MAX}$  é a linhagem correspondente ao fenótipo máximo,  $L_j$  tem o mesmo significado

anteriormente apresentado e  $s$  é o desvio padrão fenotípico. Em seguida, os valores genotípicos ( $G_j$ ) associados às linhagens relacionadas aos desempenhos fenotípicos máximos foram anotados ( $G$ ), e as estatísticas “estudentizadas” foram obtidas:  $GS = G/s$  em que:  $GS$  é o desempenho genotípico estudentizado associado ao máximo valor fenotípico. Esse processo foi repetido 50 mil vezes e algumas estatísticas relativas à distribuição foram obtidas por Monte Carlo. A média do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo foi obtida por: 
$$\overline{GS} = \frac{\sum_{i=1}^{50.000} GS_{(i)}}{50.000}.$$

Foi calculada também a probabilidade ( $P_{MAX}$ ) de o valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo estudentizado superar ou igualar o valor zero, ou seja, de haver ganho com a seleção: 
$$P_{MAX} = \frac{\sum_{i=1}^{50.000} I(GS_{(i)} \geq 0)}{50.000}$$
 em que:  $I$  é uma função indicadora que recebe o valor zero se o argumento for falso e o valor 1 se o argumento for verdadeiro. Para o  $L_{MIN}$ , processo similar foi implementado. A probabilidade para esse caso correspondeu a  $P_{MIN}$ , ou seja, de o valor genotípico mínimo estudentizado ser igual ou inferior à média da população de referência.

## Resultados e Discussão

Na primeira simulação considerou-se um número fixo de locos segregando e foi estimado o número máximo de locos com alelos favoráveis fixados selecionando-se o maior valor fenotípico, considerando-se diferentes valores de herdabilidade e variando-se o número de linhagens avaliadas.

É oportuno enfatizar que nessa primeira simulação tem-se uma situação semelhante ao trabalho de Fouilloux e Bannerot (1988), isto é, partiu-se de um número pré-fixado de locos segregando. A diferença é que os referidos autores simularam apenas uma condição de herdabilidade, igual a 1. Nas Tabelas 1 a 5 estão os resultados das 75 mil simulações para as diferentes  $h^2$  e número de linhagens avaliadas na geração ( $F_\infty$ ).

**Tabela 1.** Média, variância ( $\sigma_g^2$ ), valor mínimo (MIN) e valor máximo (MAX) de genes em função dos valores de herdabilidade para uma população de 25 linhagens na geração infinito para 20, 40, 60, 80 ou 100 genes segregantes.

20 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	10,04	10,12	10,35	10,84	11,23	11,84	12,37	13,23	13,82	14,23	14,32
$\sigma_g^2$	4,99	5,03	5,01	4,96	4,93	4,79	4,40	3,38	2,23	1,43	1,23
MIN	1	1	1	2	2	3	4	5	6	9	11
MÁX	19	18	19	19	20	19	20	20	20	19	20
40 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	20,05	20,17	20,52	21,18	21,72	22,63	23,41	24,59	25,44	25,99	26,17
$\sigma_g^2$	10,03	10,04	9,99	9,92	9,85	9,62	9,01	6,88	4,58	2,98	2,53
MIN	6	7	7	8	10	8	11	13	15	19	21
MÁX	32	35	33	34	35	34	35	35	35	35	36
60 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	30,08	30,19	30,62	31,43	32,12	33,21	34,12	35,61	36,67	37,37	37,57
$\sigma_g^2$	14,86	14,99	14,99	15,02	14,88	14,57	13,69	10,45	6,96	4,51	3,82
MIN	11	15	14	14	15	16	16	19	24	29	31
MÁX	46	47	46	48	49	48	49	49	48	49	50
80 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	40,10	40,20	40,73	41,69	42,45	43,69	44,79	46,51	47,71	48,49	48,76
$\sigma_g^2$	19,90	20,01	19,79	19,89	19,92	19,55	18,46	14,14	9,36	6,07	5,13
MIN	22	21	23	24	22	24	27	30	33	37	41
MÁX	59	58	59	61	61	62	61	61	64	64	62
100 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	50,08	50,22	50,83	51,87	52,74	54,14	55,33	57,28	58,63	59,51	59,79
$\sigma_g^2$	24,90	24,91	24,99	25,17	24,94	24,50	22,88	17,69	11,72	7,57	6,31
MIN	30	28	28	31	31	34	36	40	39	49	51
MÁX	73	71	73	74	73	74	76	74	76	75	74

**Tabela 2.** Média, variância ( $\sigma_g^2$ ), valor mínimo (MIN) e valor máximo (MAX) do máximo de genes em função dos valores de herdabilidade para uma população de 50 linhagens na geração infinito para 20, 40, 60, 80 ou 100 genes segregantes.

20 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	10,04	10,12	10,36	10,83	11,22	11,88	12,46	13,49	14,29	14,81	14,92
$\sigma_g^2$	5,03	5,00	4,97	4,98	4,92	4,84	4,68	3,68	2,26	1,21	1,00
MIN	2	2	1	2	3	3	2	5	7	10	12
MÁX	19	20	20	19	19	19	19	20	20	19	20
40 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	20,05	20,17	20,50	21,17	21,75	22,67	23,51	25,00	26,13	26,85	27,03
$\sigma_g^2$	10,05	9,94	9,98	10,09	9,87	9,87	9,62	7,62	4,71	2,58	2,08
MIN	7	8	8	9	8	8	11	13	16	20	22
MÁX	35	33	33	34	34	35	34	35	35	35	35
60 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	30,06	30,20	30,64	31,43	32,13	33,27	34,31	36,17	37,52	38,42	38,65
$\sigma_g^2$	15,10	15,14	14,96	15,03	15,01	14,90	14,52	11,52	7,19	3,94	3,19
MIN	14	14	15	16	16	17	18	22	24	30	33
MÁX	45	46	46	48	47	48	48	48	48	49	50
80 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	40,06	40,20	40,73	41,69	42,46	43,76	45,01	47,10	48,71	49,70	50,02
$\sigma_g^2$	19,92	20,08	19,89	19,93	20,12	19,80	19,47	15,41	9,57	5,29	4,26
MIN	20	20	21	23	24	25	25	27	33	38	44
MÁX	59	59	60	60	61	63	62	61	61	61	63
100 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	50,08	50,24	50,80	51,87	52,73	54,19	55,57	57,95	59,73	60,86	61,20
$\sigma_g^2$	25,10	24,94	24,73	24,84	25,13	24,87	24,52	19,26	12,12	6,69	5,36
MIN	30	30	31	31	32	33	33	38	43	49	54
MÁX	71	75	71	75	75	75	75	75	73	76	74

**Tabela 3.** Média, variância ( $\sigma_g^2$ ), valor mínimo (MIN) e valor máximo (MAX) do máximo de genes em função dos valores de herdabilidade para uma população de 100 linhagens na geração infinito para 20, 40, 60, 80 ou 100 genes segregantes.

20 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	10,04	10,12	10,37	10,83	11,22	11,88	12,49	13,69	14,68	15,32	15,46
$\sigma_g^2$	4,96	4,92	4,99	4,99	4,92	4,93	4,78	3,97	2,38	1,08	0,83
MIN	2	0	1	1	2	3	4	4	7	10	13
MÁX	19	19	19	19	19	20	20	20	20	20	20
40 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	20,07	20,17	20,50	21,18	21,73	22,65	23,55	25,29	26,71	27,60	27,83
$\sigma_g^2$	9,95	10,03	10,04	9,99	9,92	9,94	9,88	8,32	4,99	2,34	1,78
MIN	8	5	6	8	8	10	11	11	15	19	24
MÁX	33	32	34	34	34	35	36	37	35	36	35
60 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	30,09	30,20	30,63	31,42	32,11	33,24	34,38	36,53	38,25	39,33	39,64
$\sigma_g^2$	15,06	14,96	14,96	15,09	15,05	15,02	14,92	12,70	7,54	3,60	2,70
MIN	12	15	14	14	16	16	16	21	25	30	35
MÁX	45	47	47	47	49	50	49	49	49	49	49
80 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	40,07	40,23	40,73	41,64	42,47	43,75	45,05	47,55	49,58	50,83	51,15
$\sigma_g^2$	20,14	20,05	19,94	19,93	19,85	20,16	19,90	16,83	10,12	4,85	3,65
MIN	22	20	22	19	24	25	26	31	33	39	45
MÁX	59	59	60	59	61	62	62	62	62	63	62
100 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	50,08	50,32	50,78	51,88	52,74	54,21	55,66	58,44	60,69	62,10	62,48
$\sigma_g^2$	24,85	24,91	24,97	25,05	24,98	25,16	25,13	21,38	12,71	6,02	4,53
MIN	30	30	30	32	32	34	35	40	43	51	56
MÁX	70	72	70	76	74	75	74	75	75	75	76

**Tabela 4.** Média, variância ( $\sigma_g^2$ ), valor mínimo (MIN) e valor máximo (MAX) do máximo de genes em função dos valores de herdabilidade para uma população de 400 linhagens na geração infinito para 20, 40, 60, 80 ou 100 genes segregantes.

20 genes											
h <sup>2</sup>	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	10,04	10,10	10,36	10,84	11,22	11,87	12,48	13,85	15,23	16,20	16,39
$\sigma_g^2$	4,98	4,97	4,99	5,00	4,95	4,92	4,84	4,38	2,76	0,93	0,62
MIN	0	1	1	1	2	3	2	5	7	11	14
MÁX	19	19	20	19	19	20	20	20	20	20	20
40 genes											
h <sup>2</sup>	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	20,04	20,15	20,51	21,17	21,72	22,65	23,56	25,57	27,58	28,92	29,22
$\sigma_g^2$	10,10	9,93	10,05	9,89	9,95	9,99	10,07	9,37	5,88	2,06	1,34
MIN	7	7	7	8	9	10	10	14	16	22	26
MÁX	34	33	33	34	34	37	38	37	36	36	36
60 genes											
h <sup>2</sup>	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	30,06	30,20	30,60	31,45	32,11	33,25	34,36	36,91	39,35	40,99	41,36
$\sigma_g^2$	15,00	15,09	14,95	15,02	14,85	15,06	15,15	14,39	9,00	3,13	2,03
MIN	16	13	14	14	17	17	19	20	23	31	37
MÁX	48	45	47	50	48	51	50	51	49	50	50
80 genes											
h <sup>2</sup>	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	40,05	40,20	40,75	41,68	42,42	43,76	45,07	48,01	50,86	52,70	53,16
$\sigma_g^2$	19,98	20,06	19,83	19,91	19,99	19,96	20,26	19,34	12,06	4,18	2,73
MIN	22	23	23	21	21	23	27	29	34	41	48
MÁX	57	62	60	61	62	62	63	65	63	63	65
100 genes											
h <sup>2</sup>	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	50,10	50,25	50,79	51,85	52,72	54,20	55,65	58,94	62,16	64,24	64,74
$\sigma_g^2$	24,96	25,16	24,90	24,91	24,95	25,30	25,54	24,35	15,11	5,42	3,46
MIN	29	30	31	30	33	35	34	40	42	50	59
MÁX	70	71	71	72	74	77	77	76	76	79	76

**Tabela 5.** Média, variância ( $\sigma_g^2$ ), valor mínimo (MIN) e valor máximo (MAX) do máximo de genes em função dos valores de herdabilidade para uma população de 1000 linhagens na geração infinito para 20, 40, 60, 80 ou 100 genes segregantes.

20 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	10,03	10,12	10,37	10,82	11,22	11,86	12,48	13,86	15,47	16,69	16,93
$\sigma_g^2$	5,03	5,03	4,96	4,94	5,01	4,88	4,79	4,52	3,07	0,90	0,52
MIN	1	2	2	1	3	3	4	5	6	11	15
MÁX	19	19	19	19	19	20	20	20	20	20	20
40 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	20,07	20,16	20,51	21,18	21,75	22,65	23,56	25,67	28,00	29,67	30,03
$\sigma_g^2$	10,03	10,04	10,04	9,96	9,87	10,04	9,92	9,73	6,62	1,99	1,13
MIN	6	8	9	7	9	10	11	13	16	22	27
MÁX	32	32	33	33	35	36	37	37	37	36	37
60 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	30,06	30,21	30,62	31,45	32,12	33,27	34,37	36,98	39,89	41,94	42,38
$\sigma_g^2$	15,10	14,98	14,91	14,96	14,91	15,14	15,16	14,96	10,02	3,07	1,76
MIN	14	15	16	15	16	15	17	22	25	33	39
MÁX	49	48	47	47	49	49	49	50	50	51	51
80 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	40,06	40,24	40,72	41,67	42,46	43,79	45,07	48,12	51,50	53,83	54,34
$\sigma_g^2$	20,14	20,20	20,09	20,13	19,90	20,16	20,21	20,16	13,44	4,15	2,38
MIN	20	21	21	22	25	24	25	31	34	43	50
MÁX	58	60	59	61	60	62	63	64	65	64	64
100 genes											
$h^2$	0,0001	0,001	0,01	0,05	0,1	0,2	0,3	0,5	0,7	0,9	1,0
Média	50,08	50,22	50,81	51,83	52,75	54,20	55,66	59,12	62,88	65,48	66,07
$\sigma_g^2$	24,95	25,31	24,91	25,10	24,99	25,26	25,55	25,58	16,99	5,22	3,01
MIN	30	30	30	29	32	34	36	39	44	53	61
MÁX	75	71	74	73	74	74	76	76	77	77	77



Nas tabelas estão os valores médios, ou seja, o número médio de locos com alelos favoráveis, nas 75 mil simulações por evento. São colocados também os dois extremos, isto é, o número máximo e o mínimo de alelos favoráveis que uma determinada linhagem poderia ter. Tomando-se como referência a Tabela 1, percebe-se, como era esperado que, com o aumento da herdabilidade, a chance de obter linhagens com melhor desempenho, ou seja, com maior número de locos favoráveis aumentasse.

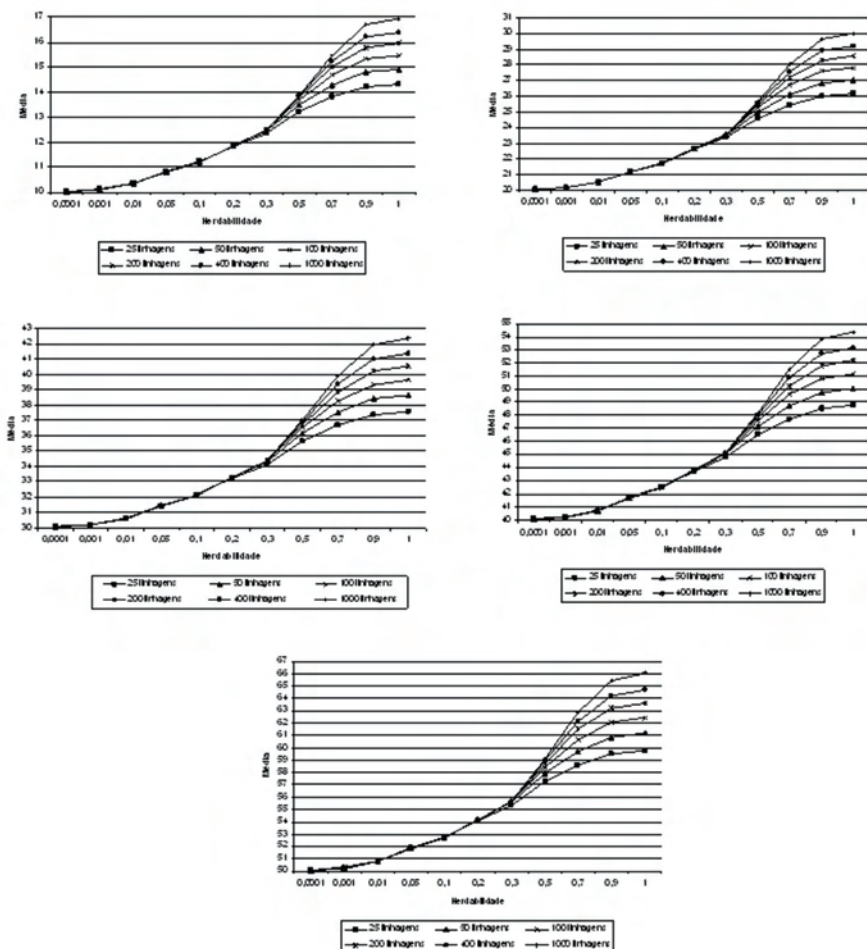
Por exemplo, quando se considerou 25 linhagens, 20 locos segregando e  $h^2$  igual 0,1, a melhor linhagem terá em média 11,23 locos com alelos favoráveis, já com  $h^2$  igual 1,0 esse número passa para 14,32, ou seja, um incremento de 27,5%. Chama a atenção o fato de que, mesmo para a seleção de caracteres em condições de herdabilidade muito baixa, por exemplo,  $h^2$  igual a 0,1, existe a possibilidade de que o melhorista tenha pleno sucesso, isto é, consiga fixar todos os alelos favoráveis. Essa observação é válida para as simulações envolvendo menor número de locos segregando, 20 no caso.

Com o aumento do número de locos, avaliando apenas 25 linhagens, a fixação de todos os alelos favoráveis não ocorre nem mesmo com  $h^2$  igual a 1,0. Com relação ao número mínimo de locos que podem ter alelos favoráveis, após a seleção, a situação é mais crítica quando se tem pequeno número de locos segregando. Observa-se, por exemplo, com  $h^2$  igual a 0,3 e 20 locos, na pior das hipóteses será possível obter uma linhagem com apenas 4 locos com alelos favoráveis, ou seja, 1/5 do valor almejado. Já com 100 genes e na mesma condição, esse número passa a ser 36, ou seja, 36% dos locos fixados. Proporcionalmente, um valor bem superior. Esse fato realça a importância de se ter a maior variabilidade possível, que nesse caso significa uma população com maior número de locos segregando para se ter sucesso com a seleção.

Outra observação que pode ser feita com relação aos valores mínimos de genes é que eles aumentam com o aumento da herdabilidade. Por exemplo, considerando 20 genes, o número mínimo é de 4 genes fixados para uma  $h^2$  igual a 0,3 e de 9 para uma  $h^2$  igual a 0,9. Esse fato é responsável pela diminuição da chance de insucesso na seleção.

Comparando o efeito do número de linhagens avaliadas para uma determinada  $h^2$ , interessantes observações podem ser feitas. Por exemplo, para  $h^2$  igual a 0,1 em experimentos com a cultura do feijoeiro (CARNEIRO, 2002), e também para outras espécies autógamas, e 40 genes, se fossem avaliadas 25 linhagens em média a melhor teria 21,72 locos com alelos favoráveis. Esse número de locos com alelos favoráveis se mantém praticamente sem alteração, mesmo que se avalie 1 mil. Essa mesma observação é válida quando se considera o número mínimo e máximo de locos com alelos favoráveis que podem ser obtidos. Esses resultados podem ser melhor visualizados na Figura 1. Nelas podem ser observados o sucesso esperado pelo melhorista, isto é, o número máximo de locos com alelos favoráveis variando a  $h^2$  e o número de linhagens avaliadas. As observações a serem feitas são bem semelhantes às comentadas anteriormente.

A eficiência do melhorista cresce com o incremento da  $h^2$  do caráter, como é comumente relatado na literatura (FALCONER, 1960). Pelos resultados apresentados, essa eficiência depende do número de genes e praticamente não muda com o aumento no número de linhagens avaliadas. Inicialmente, isso leva a supor que mesmo com poucas linhagens é possível ter sucesso no processo seletivo, uma vez que não se constatou diferenças na média do máximo de locos com alelos favoráveis fixados, independentemente do tamanho da população. Por essa razão foi realizada uma segunda simulação. Nesse caso, a variância genética está pré-fixada ( $\sigma_g^2 = 1,0$ ), porém a variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ) varia conforme a  $h^2$ . Desse modo, a proporção da variância genética em relação à variação ambiental varia conforme a  $h^2$  estabelecida.



**Figura 1.** Valores médios do número de locos com alelos favoráveis fixados para 20 (a), 40 (b), 60 (c), 80 (d) e 100 (e) genes em função dos valores de herdabilidade e do número de linhagens, para seleção do maior valor fenotípico.

Na Tabela 6 estão os valores médios dos valores genotípicos correspondentes ao fenótipo máximo (GS) estudatizado nas 150 mil simulações. Foi possível também estimar a probabilidade de se ter sucesso com a seleção ( $P_{MAX}$ ), isto é, a probabilidade de o

valor genotípico da melhor linhagem superar 0, isto é, que a linhagem selecionada apresentasse valor genotípico igual ou superior à média dos genitores. Colocando de outro modo, a probabilidade de não ocorrer perda com a seleção. Como foram 50 mil simulações em cada caso, foi possível obter as médias dos valores genotípicos correspondentes ao fenótipo máximo estudentizado (GS) e da Probabilidade máxima ( $P_{MAX}$ ), que estão apresentadas na Tabela 6, para diferentes valores de herdabilidade ( $h^2$ ) e número de linhagens ( $n$ ) na geração infinito. É importante ressaltar que os valores genotípicos são padronizados e, portanto, comparáveis em quaisquer situações.

Considerando-se na Tabela 6 a  $h^2$  igual a 0,0001, ou seja, praticamente nula, o valor genotípico máximo praticamente não se alterou com o aumento do número de linhagens avaliadas. Isso era esperado, uma vez que com essa  $h^2$  não há efeito da seleção, pois esta ocorre, na verdade, praticamente ao acaso. Observa-se também, reforçando este último comentário, que a probabilidade de não ocorrer insucesso com a seleção foi praticamente a mesma com os diferentes números de linhagens, isto é, próximo de 50%. Considerando uma herdabilidade ligeiramente maior que 0,1, um aumento no número de linhagens proporciona um incremento na média do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo (GS). Por exemplo, quando o número de linhagens utilizadas é igual a 10, GS é igual a 0,1572. Esse valor dobra quando se utiliza um  $n$  igual a 1 mil linhagens.

Essas considerações podem ser aplicadas para os diferentes valores de herdabilidade considerados. Em todas as situações verifica-se que, avaliando maior número de linhagens, a média dos valores genotípicos correspondentes ao fenótipo máximo é crescente. Essa observação é válida mesmo para a  $h^2$  igual a 1,00. Contudo, a mesma tendência não é observada para  $P_{MAX}$ . Com  $h^2$  de até 0,30, a probabilidade de insucesso com a seleção diminui com o incremento no número de linhagens. Contudo, a partir dessa herdabilidade, os valores de  $P_{MAX}$  sofrem pequenas alterações no seu valor.

**Tabela 6.** Média dos valores genotípicos correspondentes ao fenótipo máximo (GS) e probabilidade máxima deste fenótipo ( $P_{MAX}$ ) incorporar alelos favoráveis, para diferentes valores de herdabilidade ( $h^2$ ) e número de linhagens (n) na geração infinito.

$h^2 = 0,0001$			$h^2 = 0,10$			$h^2 = 0,70$		
n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$
10	0,0002	50,53	10	0,1572	69,27	10	1,1080	96,35
25	0,0002	50,93	25	0,1967	74,28	25	1,3920	99,22
50	0,0002	51,15	50	0,2264	76,92	50	1,5807	99,83
100	0,0003	51,40	100	0,2500	79,46	100	1,7618	99,97
200	0,0002	51,02	200	0,2756	81,74	200	1,9249	99,99
400	0,0003	51,53	400	0,2977	83,74	400	2,0819	99,99
1000	0,0003	51,39	1000	0,3221	86,19	1000	2,2705	100,00
5000	0,0004	51,32	5000	0,3669	88,72	5000	2,5757	100,00
$h^2 = 0,001$			$h^2 = 0,20$			$h^2 = 0,90$		
n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$
10	0,0018	51,69	10	0,3176	76,96	10	1,4280	99,36
25	0,0016	52,57	25	0,3973	83,15	25	1,7863	99,99
50	0,0021	52,68	50	0,4529	86,52	50	2,0308	100,00
100	0,0025	53,37	100	0,5046	88,80	100	2,2660	100,00
200	0,0028	53,77	200	0,5494	91,19	200	2,4746	100,00
400	0,0031	53,47	400	0,5946	92,76	400	2,6734	100,00
1000	0,0034	54,26	1000	0,6490	94,56	1000	2,9152	100,00
5000	0,0036	54,44	5000	0,7363	96,62	5000	3,3125	100,00
$h^2 = 0,01$			$h^2 = 0,30$			$h^2 = 1,00$		
n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$
10	0,0162	55,95	10	0,4776	82,66	10	1,5818	99,90
25	0,0194	57,80	25	0,5949	88,86	25	1,9817	100,00
50	0,0228	59,04	50	0,6782	92,15	50	2,2625	100,00
100	0,0250	60,24	100	0,7549	94,35	100	2,5143	100,00
200	0,0264	60,95	200	0,8259	95,94	200	2,7493	100,00
400	0,0296	61,47	400	0,8880	97,06	400	2,9716	100,00
1000	0,0330	62,57	1000	0,9747	98,09	1000	3,2411	100,00
5000	0,0366	64,15	5000	1,1057	99,17	5000	3,6780	100,00
$h^2 = 0,05$			$h^2 = 0,50$					
n	Média	$P_{MAX}$	n	Média	$P_{MAX}$			
10	0,0797	63,69	10	0,7879	91,00			
25	0,0988	67,16	25	0,9930	96,20			
50	0,1121	69,72	50	1,1307	97,96			
100	0,1243	71,26	100	1,2556	99,04			
200	0,1367	73,19	200	1,3703	99,54			
400	0,1492	75,09	400	1,4887	99,76			
1000	0,1633	77,03	1000	1,6185	99,91			
5000	0,1841	79,85	5000	1,8406	99,99			

Com isso fica claro que a chance de se ter sucesso no melhoramento selecionando o melhor genótipo já é muito alta com  $h^2 \geq 0,30$  e  $n = 10$ . Obviamente o sucesso é cada vez maior à medida que se aumenta  $n$  para uma mesma herdabilidade ou à medida que se aumenta  $h^2$  para um mesmo valor de  $n$ . Esse resultado é coerente com o fato de que, quando a  $h^2$  do caráter é alta, é maior a probabilidade de sucesso com a seleção, independentemente do número de linhagens avaliadas. Porém, a estimativa do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo (GS), já comentado, mostra que a eficiência da seleção, a magnitude do sucesso, pode aumentar com o incremento do número de linhagens, independente da herdabilidade do caráter.

De acordo com Bernardi (1986), as estimativas das médias das linhagens podem ser obtidas com maior precisão quando passam a representar com mais segurança seus respectivos valores genotípicos. É interessante observar o resultado do  $P_{MAX}$ .

A probabilidade de obter valores genotípicos da linhagem selecionada igual a zero ou positivo é crescente com o aumento no número de linhagens. Com 10 linhagens, há 30,73% de probabilidade de ocorrer insucesso com a seleção. Ou seja, a média das linhagens selecionadas abaixo da média dos pais. Com 1 mil linhagens, esse valor passa para 13,81%. Resultados semelhantes foram encontrados na simulação para o  $P_{MIN}$ , ou seja, a probabilidade do valor genotípico mínimo estudentizado ser igual ou inferior à média da população de referência cresceu com o aumento do número de linhagens. Por isso os resultados correspondentes não foram apresentados na Tabela 6.

Dessa forma, constata-se que a segunda alternativa de simulação foi mais realista que a primeira, no intuito de esclarecer que para se determinar o número ideal de indivíduos no processo de seleção é necessário se considerar a estimativa da herdabilidade para o caráter que está sendo selecionado. A princípio, se o caráter apresentar  $h^2$  inferior a 0,3 será necessário maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior à média da população. É importante destacar que será

necessário um maior número de linhagens ( $n$ ) em qualquer valor de herdabilidade ( $h^2$ ) e que, quanto maior for essa  $h^2$ , maior será a chance de ganho com a seleção.

Considerando um  $n$  igual a 400, observa-se que a média do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo será de 0,8880 para uma  $h^2$  igual a 0,30 e de 1,4887 para uma  $h^2$  igual a 0,50.

O fundamento de todo e qualquer programa de melhoramento genético é a identificação de combinações fenotípicas superiores, capazes de apresentar um bom desempenho nos plantios comerciais (BERTOLUCCI, 1990). Especialmente para programas com limitação de recursos há necessidade de uma criteriosa escolha dos genitores e/ou população segregantes, especialmente para caracteres de controle quantitativo, nos quais os valores de  $h^2$  são normalmente baixos.

Nesses casos, o melhorista deve manusear o menor número de populações segregantes para ser possível avaliar um grande número de linhagens desses cruzamentos e assim aumentar o progresso genético com a seleção. Portanto, os melhoristas têm duas opções para tratamentos com baixa herdabilidade.

A primeira é conduzir o maior número de cruzamentos biparentais identificando uma ou algumas populações segregantes que são mais promissoras, utilizando algum método de condução de população segregante. Nessas populações, o maior número possível de famílias deve ser avaliado para permitir que a variação existente se expresse e para aumentar a probabilidade de obter linhagens com melhor performance (COMSTOCK, 1964). Nesse caso, basta avaliar os indivíduos  $F_2$  e conduzir as gerações segregantes em experimentos com repetições.

A segunda opção seria executar múltiplos cruzamentos e avaliar o maior número possível de famílias quando nenhum outro método fosse satisfatório para seleção entre as populações segregantes.

Essa opção exigiria mais tempo e recursos para obter a população. Contudo, isso pode ser compensado pela maior variação disponível para o melhorista quando um maior número de famílias é avaliado para um dado cruzamento. Isso pode ser observado na Tabela 6. Quando se considera um ganho em torno de 1,10 é necessária uma população com 5 mil linhagens para uma herdabilidade de 0,30 (1,1057), e uma população de apenas 10 linhagens, considerando uma herdabilidade igual a 0,70 (1,1080). Há situações em que se constata que os artigos e publicações sobre determinado assunto apresentam embasamento teórico tão resumido que não permite, à primeira vista, uma decisão segura a respeito dos seus méritos teóricos (BAKKE, 1988).

Alguns estudos foram realizados visando obter informações a respeito do número ideal de famílias a serem avaliadas (SHEBESKI, 1967; SNEEP, 1977), mas como foram em condições restritas, não permitem que suas conclusões possam ser generalizadas. Dessa forma, para a determinação do número ideal de famílias a serem avaliadas no processo seletivo deve-se considerar a herdabilidade do caráter.

Verifica-se que com o aumento do número de famílias as estimativas dos parâmetros genéticos tornam-se mais precisas, mas é necessário determinar um número adequado para economizar tempo e dinheiro (PINTO, 1996). Quando o número é pequeno, pode ocorrer a perda de genes e a fixação de alelos indesejáveis e, quando o número é grande, os recursos são utilizados de maneira inadequada (FALCONER, 1960). Deve-se levar em consideração também que o número ideal de linhagens em uma população em que a seleção irá atuar não pode ser extrapolado para todas as populações.

Isto não é um problema de precisão estatística, mas é devido à estrutura genética das populações. Se uma população possui uma ampla heterogeneidade genética e o número de linhagens nessa população for utilizado para uma população mais homogênea, esse número seria insuficiente para representar devidamente as populações mais heterogêneas. No primeiro caso, estaria se desperdiçando área,



recursos humanos e econômicos, o que não é justificável; e no segundo caso, as conclusões experimentais seriam afetadas pela insuficiência do número de linhagens utilizado para cada tipo de população (BERNARDI, 1986).

## **Conclusão**

Na determinação do número ideal de famílias a serem avaliadas no processo seletivo deve-se considerar a herdabilidade do caráter. Para se obter um ganho genético em torno de 1,10 na população selecionada, são necessárias 5 mil linhagens para uma  $h^2 = 0,30$  e 10 linhagens para  $h^2 = 0,70$ . Se o caráter apresentar  $h^2$  inferior a 0,30 será necessário maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior a média da população.

## **Agradecimentos**

Ao professor Daniel Furtado Ferreira da Universidade Federal de Lavras, pelas orientações na área de biometria e genética quantitativa.

Aos pesquisadores da Embrapa Antônio Carlos de Oliveira e Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pelos dados fornecidos e utilizados.

## Referências

BAKER, R. J. Quantitative genetic principles in plant breeding. In: GUSTAFSON, J. P. (Ed). **Gene manipulation in plant improvement**. Columbia: University of Missouri, 1984. p. 147-176.

BAKKE, A. O. **Tamanho e forma ótimos de parcelas em delineamentos experimentais**. Piracicaba: USP, ESALQ, 1988. 142 p.

BERNARDI, J. **Efeito e determinação do tamanho de parcela para seleção de progênes de arroz de sequeiro (*Oryza sativa* L.)**. Piracicaba: ESALQ, USP, 1986. 168 p.

BERTOLUCCI, F. L. G. **Novas alternativas de tamanho e forma da parcela experimental para avaliação de progênes de feijoeiro**. Lavras: UFLA, 1990. 105 p.

CANTÚ, M. **Dominando o Delphi 6: a bíblia**. São Paulo: MAKRON Books, 2002. 934 p.

CARNEIRO, J. E. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 4, p.515-524, 2002.

COMSTOCK, R. E Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., 1964, Washington, D. C. **Proceedings...** Washington, D. C.: American Seed Trade Association, 1964,p. 87-97.

DACHS, J. N. W. **Estatística computacional**: uma introdução ao Turbo Pascal. Rio de Janeiro: Livros Técnicos e Científicos, 1988. 236 p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ronald Press, 1960. 365 p.

FERREIRA, W. D.; RAMALHO, M. A. P. **Implicação do número de famílias no processo seletivo da cultura do feijoeiro**. Lavras: UFLA, 1998. 66 p.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. L. (Ed.). **Genetic resources of Phaseolus bean**: their maintenance, domestication, evolution, and utilization. Dordrecht: Klüner Academic Publishers, 1988. p. 503-542. 611 p.

PINTO, R. M. C. **Tamanho da amostra para seleção recorrente com progênes S<sub>1</sub> em milho**. 1996. 92 f. Dissertação (Mestrado em ) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP, Piracicaba..

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, v. 1. p. 201-230.

SHEBESKI LH **Wheat and breeding**. In: CANADIAN CENTENNIAL WHEAT SYMPOSION, 1967, Calgary: Universidade Cornell,1967. Proceedings... p.253-272.

SNEEP, J. Selection for yield in early generations of self-fertilizing crops. *Euphytica*, v. 26, n. 1,p. 27-30, 1977.



---

*Amazônia Oriental*

Ministério da  
**Agricultura, Pecuária  
e Abastecimento**



CGPE 10192